

Le champignon phytopathogène *Magnaporthe oryzae* est-il associé à des bactéries symbiotiques du genre *Burkholderia* ?

E. Fournier¹, S. Cros-Arteil¹, A. Deveau², E. Ortega-Abboud³, L. Mallet⁴, H. Chiapello^{4,5}, D. Tharreau³

¹INRA, UMR BGPI, TA A/54 K, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier cedex 5, France

²INRA, UMR IAM, IFR110 EFABA, Centre INRA de Nancy, 54280 Champenoux, France

³CIRAD, UMR BGPI, TA A/54 K, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier cedex 5, France

⁴INRA, UR MIG, Bât. 233, Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas, France

⁵INRA, UR MIA-T, 24 chemin de Borde-Rouge, Auzeville CS 52627, 31326 Castanet-Tolosan, France

L'Ascomycète *Magnaporthe oryzae* (*Mo*) cause la pyriculariose du riz et d'autres Poacées. En séquençant 9 génomes de *Mo*, nous avons trouvé dans 4 d'entre eux des régions génomiques bactériennes d'une espèce non encore décrite du genre *Burkholderia* (b-proteobactéries). Très ubiquiste, ce genre comprend des espèces commensales, pathogènes, et symbiotiques d'organismes divers dont des champignons. Des symbioses plus ou moins étroites existent entre *Burkholderia* et des champignons mycorrhiziens ou pathogènes. La bactérie peut jouer un rôle clé dans la biologie du champignon : ainsi le champignon *Rhizopus microsporus* ne produit pas de rhizoxine (indispensable pour attaquer sa plante hôte) sans la bactérie *B. rhizoxinica*. Les séquences bactériennes détectées dans les génomes de *Mo* sont-elles des contaminants, ou s'agit-il d'une réelle association entre *Mo* et *Burkholderia* ? Nous présentons des éléments préliminaires qui favorisent la seconde hypothèse. Pour trois des quatre génomes fongiques contenant la bactérie, la taille cumulée des régions bactériennes est de 4 à 9 Mb, avec environ 5000 gènes. D'après nos premières analyses ces 3 « génomes » bactériens ne sont pas totalement identiques entr eux; il ne s'agirait donc pas d'une souche bactérienne unique. Une technique PCR adaptée aux matrices en très faibles proportions a permis d'amplifier un gène bactérien (*recA*, amorces spécifiques de nos génomes bactériens) dans les ADN de *Mo* séquencés au Génomscope, mais aussi dans des ADN d'autres souches de *Mo* de notre collection. Des colorations (DAPI, Acridine orange) de cultures fraîches des souches de *Mo* censées contenir la bactérie, ont mis en évidence dans certains cas, des corps pouvant correspondre à des bactéries. Des hybridations *in situ* ont été faites avec les sondes eub338 universelle eubactéries, BET42a spécifique b-protéobactéries, et SUBU spécifique *Burkholderia*. Un signal positif a été observé dans plusieurs échantillons hybridés avec les sondes eub338 et BET42a mais pas avec la sonde SUBU. La co-hybridation eub338/BET42a indiquant la présence de bactéries a été observée plusieurs fois (pas systématiquement). Mais les contrôles négatifs (sonde antisens eub338 et échantillons non hybridés) ont révélé des signaux aspécifiques de taille identique dans les longueurs d'onde utilisées. Ces résultats suggèrent que des bactéries sont naturellement associées à *Mo*, mais des analyses complémentaires sont nécessaires pour le confirmer et élucider le type d'association en jeu.

Mots-clés : *Magnaporthe*, *Burkholderia*, champignon, bactérie, symbiose